

دریافت مقاله: ۱۴۰۳/۰۶/۰۷

پذیرش مقاله: ۱۴۰۳/۰۷/۱۸

نوع مقاله: پژوهشی

ارائه رویکردی برای تشخیص بیماری کرونا با هستی‌شناسی بیماران و استفاده از یک روش انتخاب ویژگی ترکیبی مبتنی بر الگوریتم بهینه‌سازی هریس‌هاکس و الگوریتم بهینه‌سازی فراابتکاری نهنگ

سید محمد جوادى مقدم*

دانشکده مهندسی - دانشگاه بزرگمهرقائنات - قاین - ایران
پست الکترونیکی: smjavadim@buqaen.ac.ir

احمد کشمیری

دانشکده مهندسی - دانشگاه آزاد اسلامی - واحد فردوس - ایران
پست الکترونیکی: keshmiry@gmail.com

چکیده

در اواخر سال ۲۰۱۹ سازمان بهداشت جهانی بیماری کرونا را به عنوان یک اپیدمی اعلام کرد. این بیماری به سرعت در سطح جهان گسترش پیدا کرد و بعد از مدت کوتاهی کشورهای زیادی را درگیر کرد. یکی از روش‌های تشخیص بیماری کرونا استفاده از تصاویر سی‌تی‌اسکن ریه و روش‌های پردازش تصویر می‌باشد که نسبت به روش‌های آزمایشگاهی ارزان‌تر و در دسترس‌تر می‌باشد. یکی از چالش‌های روش‌های مبتنی بر تصویر این است که در اکثر مواقع بیماری کرونا لزوماً ریه‌ها را درگیر نمی‌کند و در تصاویر سی‌تی‌اسکن این بیماری نیز پنهان است. چالش دیگر این روش‌ها عدم توجه به ویژگی‌های ویروس کرونا و سایر علائم بالینی و سایر ویژگی‌های مربوط به این ویروس و واکنش بدن فرد به آن است. استفاده از اطلاعات پرونده بیماران یا اطلاعات منتشر شده در شبکه‌های اجتماعی می‌تواند در حل این مشکل

موثر باشد. این مقاله یک روش ترکیبی مبتنی بر شبکه عصبی و هستی‌شناسی مربوط به بیماران ارائه می‌کند که با توجه به اطلاعات فردی و بالینی طبقه‌بندی بیماران را انجام می‌دهد. روش پیشنهادی دارای دو مرحله است: مرحله انتخاب ویژگی و مرحله طبقه‌بندی. انتخاب ویژگی بر اساس هستی‌شناسی اطلاعات مربوط به بیماران و مراجعه‌کنندگان به مراکز درمانی و با استفاده از الگوریتم بهینه‌سازی فراابتکاری نهنگ^۱ و الگوریتم بهینه‌سازی هریس‌هاکس^۲ انجام می‌شود. برای طبقه‌بندی بیماران نیز از شبکه عصبی چندلایه استفاده می‌شود. نتایج ارزیابی روش پیشنهادی با یک مجموعه داده واقعی نشان داد که صحت، حساسیت و دقت روش پیشنهادی در تشخیص بیماران کووید ۹۵ درصد، ۹۴/۲۷ درصد و ۹۴/۷۶ درصد می‌باشد. همچنین مقایسه روش پیشنهادی با سایر روش‌های یادگیری ماشین مانند شبکه عصبی هم‌آمیختی^۳،

1-Whale Optimization Algorithm (WOA)

2-Harris Hawk Optimization (HHO)

3-Convolutional neural network (CNN)

* نویسنده مسئول

می‌شوند [۴]. از آنجایی که فرد مبتلا به بیماری کرونا در مراحل اولیه می‌تواند هیچ نشانه در تصاویر سی‌تی‌اسکن و اشعه ایکس نداشته باشد بنابراین روش‌های مبتنی بر تصویر به تنهایی قادر به تشخیص بیماران با دقت بالا نیستند. یک تیم تحقیقاتی در امریکا نشان دادند که ترکیبی از تجزیه و تحلیل پرونده‌های الکترونیکی سلامت بیمارستانی و تکنیک‌های یادگیری ماشین می‌تواند به کیفیت تشخیص و درمان بیماری مزمن انسدادی ریه کمک کند [۵، ۶].

از آنجایی که هستی‌شناسی رابطه دقیق‌تری از ارتباط ویژگی‌ها را بیان می‌کند [۷]، نوآوری این مقاله در استفاده از اطلاعات هستی‌شناسی بالینی بیماران و الگوریتم ترکیبی الگوریتم بهینه‌سازی فراابتکاری نهنگ و الگوریتم بهینه‌سازی هریس‌هاکس، می‌باشد به‌طوری که ویژگی‌های مهم اطلاعات را استخراج می‌کند تا برای آموزش روش‌های یادگیری ماشین مانند شبکه‌های عصبی پرسپترون چندلایه برای طبقه‌بندی بیماران از افراد سالم استفاده شود. هر بردار ویژگی که خطای طبقه‌بندی و تعداد ویژگی‌های انتخابی را کاهش دهد، به عنوان بردار ویژگی بهینه‌تر در تشخیص بیماری شناخته می‌شود. ویژگی‌های انتخاب شده در مرحله بعد برای یادگیری سه روش یادگیری ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost استفاده می‌شود. سپس با استفاده از یک شیوه رای‌گیری اکثریت با دقت بالا افراد را به بیمار و سالم طبقه‌بندی می‌کند. نتایج ارزیابی نشان داد صحت^۱ روش‌های رای‌گیری ماشین بردار پشتیبان، XGBoost، MLP و روش پیشنهادی به ترتیب ۹۰/۱۶، ۹۱/۲۶، ۹۲/۱۴ درصد و ۹۵/۲۷ درصد می‌باشد.

ادامه مقاله شامل این بخش‌ها می‌باشد. تعدادی از کارهای مرتبط انجام شده در بخش بعد ارائه می‌شود. در بخش سوم، روش پیشنهادی برای تشخیص بیماران از افراد سالم معرفی شده است. در بخش چهارم، تحلیل روش پیشنهادی برای تشخیص بیماران کرونا از افراد سالم مورد بحث قرار گرفته است. در بخش پنجم، نتایج مقاله و پیشنهادهای آتی ارائه شده است.

شبکه عصبی هم‌آمیختگی - حافظه کوتاه‌مدت طولانی^۴ و ماشین بردار پشتیبان^۵ در تشخیص بیماران کرونا از افراد سالم حاکی از دقت بالاتر می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: کرونا، هستی‌شناسی بیماران، انتخاب ویژگی، الگوریتم بهینه‌سازی فراابتکاری نهنگ، الگوریتم بهینه‌سازی هریس‌هاکس.

۱. مقدمه

در پایان سال ۲۰۱۹، زمزمه‌های شیوع یک بیماری خطرناک، جهان را نگران کرد. تحقیقات دانشمندان نشان داد که یک بیماری تنفسی شایع مشابه سارس در یکی از استان‌های چین در حال گسترش است. بیماری مورد بحث ابتدا در بازارهای حیوانات مشاهده شد و به مرور زمان در شهرهای مختلف چین و سپس در سراسر جهان به سرعت گسترش یافت. علائم این بیماری مانند سرماخوردگی است اما در موارد پیشرفته ریه‌های بیمار شبیه ذات‌الریه عفونی می‌شود و در نهایت منجر به مرگ بیمار می‌شود [۱]. تشخیص زودهنگام بیماران مبتلا به کرونا برای درمان به‌موقع برای مهار شیوع، به‌ویژه در مناطق اپیدمی، حیاتی است. با این حال، این یک کار چالش برانگیز باقی می‌ماند. منابع پزشکی محدود و تعداد زیاد بیماران در بسیاری از مناطق تحت تأثیر کرونا معمولاً منجر به زمان انتظار طولانی برای تشخیص و تصمیمات پزشکی مانند قرنطینه یا بستری شدن در بیمارستان می‌شود که به طور بالقوه شانس ابتلا به عفونت متقاطع را افزایش می‌دهد و منجر به عدم پیش‌بینی درست بیماری می‌شود. روش‌های آزمایشگاهی اولین روش تشخیص بیماری می‌باشد که علاوه بر هزینه زیاد، از دقت تشخیصی بالایی برخوردار نمی‌باشد. یکی دیگر از روش‌ها برای تشخیص میزان ابتلای فرد به کرونا، استفاده از تصاویر سی‌تی‌اسکن ریه است. تکنیک‌هایی مانند یادگیری عمیق [۲] و یادگیری ماشین [۳] معمولاً برای پردازش تصاویر سی‌تی‌اسکن ریه استفاده

4-Long short-term memory (LSTM)

5-Support vector machines (SVM)

6- Accuracy

۲. کارهای مرتبط

سال ۲۰۲۰، یک بیماری همه‌گیر بی‌سابقه به نام کرونا را تجربه کرد که تمام جهان را تحت تأثیر قرار داد. فقدان درمان، انگیزه تحقیقات در همه زمینه‌ها را برای مقابله با آن فراهم کرده است. در علوم کامپیوتر، مشارکت‌ها عمدتاً شامل توسعه روش‌هایی برای تشخیص و پیش‌بینی موارد کرونا است. علم داده و یادگیری ماشین^۷ پرکاربردترین تکنیک‌ها در این زمینه هستند. کارهای انجام شده در این زمینه را می‌توان براساس نوع داده‌های تجزیه و تحلیل شده دسته‌بندی کرد. جدول ۱ این دسته‌بندی را نشان می‌دهد.

جدول (۱): دسته‌بندی کارهای انجام شده براساس داده‌های تجزیه و تحلیل شده

آدرس روش تشخیصی	نوع داده تحلیل شده
[۸-۱۱]	تصاویر سی‌اسکن
[۱۱-۱۴]	تصاویر اشعه ایکس
[۱۵-۱۹]	مشاهدات بالینی

۱.۲. روش‌های مبتنی بر تصاویر اشعه ایکس

مهدی و همکاران [۱۲] رویکرد جدیدی را بر اساس هیبریداسیون ماشین بردار پشتیبان با آستانه چند سطحی برای تشخیص بیماران مبتلا به کرونا از تصاویر اشعه ایکس ارائه کردند. کار مشابهی توسط ستی و همکاران انجام شد [۱۳] که در آن یک رویکرد ترکیبی مبتنی بر ترکیب استفاده از ماشین بردار پشتیبان با ۱۳ مدل شبکه عصبی هم‌آمیختگی از پیش آموزش دیده برای تشخیص کرونا از تصاویر اشعه ایکس قفسه سینه پیشنهاد شد. یک مدل عمیق شبکه عصبی هم‌آمیختگی توسط ژانگ و همکاران توسعه داده شد [۱۴] که از سه جزء (یک شبکه ستون فقرات، یک سر طبقه‌بندی و یک سر تشخیص ناهنجاری) تشکیل شده است. این تکنیک با استفاده از ۱۰۰ تصویر اشعه ایکس قفسه سینه از ۷۰ بیمار که از مخزن گیت

هاب^۸ گرفته شده بود، ارزیابی شد. ۱۴۳۱ تصویر اضافی با اشعه ایکس قفسه سینه از ۱۰۰۸ بیمار که از داده‌های اشعه ایکس ۱۴ عمومی قفسه سینه گرفته شده بود نیز برای تسهیل یادگیری عمیق استفاده شد. همان‌طور که قبلاً اشاره شد زمانی بیماری کرونا در تصویر اشعه ایکس قابل شناسایی است که ریه‌ها درگیر بیماری شده و فرد در مرحله پیشرفته بیماری قرار دارد. این تأخیر می‌تواند در شیوع بیماری در زمان اپیدمی موثر باشد. علاوه بر این بیماران زیادی مبتلا به بیماری کرونا می‌شوند بدون این که ریه‌های آنها درگیر بیماری شود. بنابراین روش‌های مبتنی بر تصویر اشعه ایکس نمی‌تواند روش دقیقی برای تشخیص باشد.

۲.۲. روش‌های مبتنی بر تصاویر سی‌تی‌اسکن

سینگ و همکاران [۸] از چهار رویکرد یادگیری ماشینی (ماشین بردار پشتیبان با ترکیب دسته‌ای^۹، شبکه عصبی شبکه عصبی هم‌آمیختگی، ماشین یادگیری افراطی^{۱۰}، یادگیری افراطی با توالی برخظ^{۱۱}) برای تشخیص خودکار موارد کرونا استفاده کرد. عملکرد رویکردهای پیشنهادی با استفاده از مجموعه داده‌های ۷۰۲ تصویر سی‌تی‌اسکن (۳۴۴ با کرونا و ۳۵۸ نرمال) مورد آزمایش قرار گرفت. شای و همکاران [۱۱] یک روش جنگل تصادفی آگاه از اندازه عفونت را برای تشخیص کرونا پیشنهاد کرد. مجموعه داده‌ای از ۱۰۲۰ تصویر سی‌تی‌اسکن (۱۶۵۸ با کرونا، و ۱۰۲۷ با پنومونی) برای ارزیابی عملکرد روش پیشنهادی استفاده شد. وانگ و همکاران [۱۰] یک مدل عمیق شبکه عصبی هم‌آمیختگی و شبکه پسماند^{۱۲} برای تشخیص کرونا در تصاویر سی‌تی‌اسکن پیشنهاد کرد. وانگ و همکاران [۹] از هشت مدل یادگیری عمیق برای کرونا استفاده کرد. تشخیص کارایی مدل‌های پیشنهادی با استفاده از ۱۱۳۶ تصویر سی‌تی‌اسکن (۷۲۳ با کرونا

8-Github

9-SVM with Bagging Ensemble

10-Extreme Learning Machine (ELM)

11-Online Sequential ELM (OS-ELM)

12-Residual Network

7- (ML) Machine Learning

و ۴۱۳ طبیعی) جمع‌آوری شده از پنج بیمارستان ارزیابی شد. همان‌طور که در بخش ۲.۲ اشاره شد روش‌هایی که مبتنی بر تصویر هستند زمانی می‌توانند بیماری را تشخیص دهند که عفونت در ریه‌ها وجود داشته باشد حال آن که بیماران زیادی وجود دارند که نشانه‌ای در ریه‌های آنها قابل مشاهده نمی‌باشد.

۳.۲. روش‌های مبتنی بر مشاهدات بالینی

استفاده از اطلاعات و سوابق بیماران مراجعه‌کننده به مراکز درمانی یکی دیگر از روش‌های تشخیص بیماری کرونا است. در این روش‌ها از اطلاعات مراجعه‌کنندگان به مراکز درمانی در زمان همه‌گیری کرونا برای آموزش روش‌های یادگیری ماشینی و یادگیری عمیق استفاده می‌شود. مزیت این نوع روش‌ها این است که لزوماً به اطلاعات تصاویر سی‌تی‌اسکن متکی نیست و از سایر اطلاعات افراد برای غربالگری بیماران از افراد سالم استفاده می‌شود. داده‌های جمع‌آوری شده در مراکز درمانی دارای الگوهای پیچیده و پنهان مرتبط با بیماری کرونا است. روش‌های یادگیری ماشینی توانایی کشف الگوی پنهان بیماری کرونا را در داده‌های جمع‌آوری شده در مراکز پزشکی دارند.

سان و همکاران [۱۷] از مدل ماشین بردار پشتیبان برای پیش‌بینی بیماران کرونا با علائم شدید/ بحرانی استفاده کرد. ۲۲۰ پرونده مشاهدات بالینی/آزمایشگاهی و ۳۳۶ مورد از بیماران مبتلا به کرونا که به مجموعه داده‌های آموزشی و آزمایشی تقسیم شده‌اند برای اعتبارسنجی عملکرد مدل ماشین‌بردار پشتیبان استفاده شد. یان و همکاران [۱۸] یک مدل رگرسیون نظارت شده به نام XGBoost برای پیش‌بینی بیماران کرونا پیشنهاد کرد. پایگاه داده‌ای از نمونه‌های خون ۴۸۵ بیمار آلوده در منطقه ووهان چین در شبیه‌سازی‌ها استفاده شد و نتایج نشان داد که XGBoost با دستیابی به دقت کلی ۹۰ درصد در تشخیص بیماران مبتلا به کرونا عملکرد خوبی دارد. سلاما و همکاران [۱۹] از مدل رگرسیون خطی با ماشین‌بردار

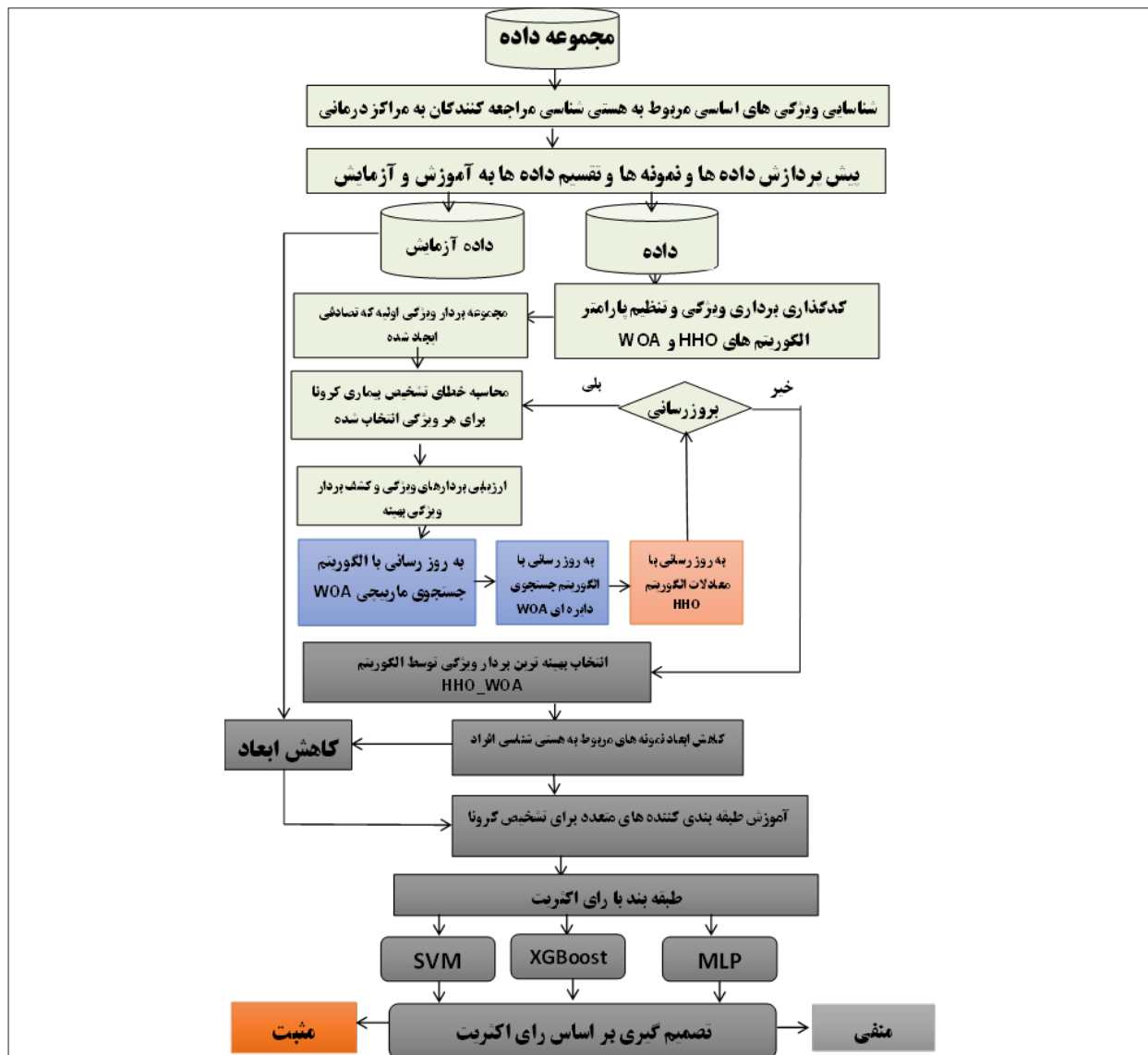
پشتیبان و شبکه عصبی مصنوعی^{۱۳} برای پیش‌بینی بیماران مبتلا به کرونا استفاده کرد. اثربخشی مدل‌های پیشنهادی بر اساس مجموعه داده‌های اپیدمیولوژیکی جمع‌آوری شده از بسیاری از گزارش‌های بهداشتی موارد بیدرنگ ارزیابی شد. خاندی و همکاران [۱۶] رگرسیون لجستیک را با شش رویکرد یادگیری ماشین (تقویت سازگار^{۱۴}، تقویت گرادیان تصادفی، درخت تصمیم، ماشین‌بردار پشتیبان، چندجمله‌ای ساده بیز و جنگل تصادفی) برای تشخیص و طبقه‌بندی کرونا پیشنهاد کرد. این با استفاده از ۲۱۲ گزارش بالینی که به چهار رده تقسیم شده است شامل کرونا، سندرم دیسترس حاد تنفسی^{۱۵}، سارس^{۱۶}، و هر دو (کرونا، سندرم دیسترس حاد تنفسی) ارزیابی شد. در کار بریناتی و همکاران [۱۵]، هفت رویکرد یادگیری ماشین (جنگل تصادفی، رگرسیون لجستیک، K نزدیکترین همسایه، درخت تصمیم، درختان به‌شدت تصادفی، بی‌بی‌های ساده و ماشین‌بردار پشتیبان) برای شناسایی بیماران مثبت کرونا پیشنهاد شد. در شبیه‌سازی از آزمایش خون معمول جمع‌آوری شده از ۲۷۹ بیمار استفاده شد. تمام روش‌های ارائه شده مبتنی بر اطلاعات بالینی یک یا چند ویژگی خاص را برای تشخیص در نظر می‌گیرند. از آنجایی که در افراد مختلف ممکن علائم متفاوتی در زمان بیماری بروز کند انتخاب این ویژگی‌ها نقش مهمی در تشخیص درست دارد. تشخیص دقیق نقش مهمی در گسترش یک اپیدمی بازی می‌کند. استفاده از هستی‌شناسی یکی از روش‌های افزایش دقت مدل‌های تشخیصی می‌باشد. این مقاله یک رویکرد جدید برای تشخیص بیماری کرونا بر اساس اطلاعات جمع‌آوری شده در مراکز درمانی با توجه به هستی‌شناسی بیماران ارائه می‌کند. در این مطالعه سعی شده است با روش‌های یادگیری عمیق و یک روش انتخاب ویژگی ترکیبی، الگوی بیماران مبتلا به کرونا با دقت بالاتر شناسایی شود و با استفاده از این الگوها، روند شیوع بیماری کاهش یابد.

13-Artificial Neural Networks (ANN)

14-Adaboost

15-ARDS

16-SARS



شکل (۱): فرآیند روش پیشنهادی برای تشخیص بیماری کرونا

۳. روش پیشنهادی

در زمان همه‌گیری کرونا مراجعه به مراکز درمانی افزایش یافته و برخی از این افراد بیمار و برخی دیگر بیمار نیستند و تنها علائم بیماری در آنها ظاهر شده است. اگر اطلاعات و ویژگی‌های افراد مراجعه‌کننده به بیمارستان‌ها جمع‌آوری و تجزیه و تحلیل شود، آنگاه می‌توان از این داده‌ها برای آموزش روش‌های یادگیری ماشین استفاده کرد. یکی از روش‌های موثر تجزیه و تحلیل بیماری‌ها و طبقه‌بندی افراد سالم از افراد بیمار، استفاده از شبکه عصبی مصنوعی چندلایه است که ساختار ساده‌ای دارد. اگر یک شبکه عصبی مصنوعی

با داده‌های مراکز پزشکی آموزش داده شود، می‌تواند افراد بیمار را از افراد سالم طبقه‌بندی کند، اما این طبقه‌بندی می‌تواند با خطای قابل توجهی همراه باشد. خطای طبقه‌بندی افراد سالم مبتلا به کرونا توسط شبکه عصبی مصنوعی تا حد زیادی به ویژگی‌های انتخاب شده بستگی دارد. فرآیند روش پیشنهادی برای تشخیص بیماران کرونا بر اساس اطلاعات هستی‌شناسی بیماران و ویژگی‌های مربوط به کرونا در شکل ۱ نمایش داده شده است.

در این فرآیند، ویژگی‌های حیاتی مربوط به بیماران کشف می‌شود، سپس از چندین روش یادگیری ماشینی

برای طبقه‌بندی بیماران استفاده می‌شود. در روش پیشنهادی برای تشخیص بیماران کرونا، دو مرحله اصلی زیر وجود دارد:

مرحله اول: تحلیل ویژگی‌ها و هستی‌شناسی بیماران و مراجعه‌کنندگان به مراکز درمانی

اطلاعات مربوط به بیماران و مراجعه‌کنندگان به مراکز درمانی مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. در این مرحله یک مجموعه داده از این ویژگی‌ها و هستی‌شناسی بیماران جمع‌آوری می‌شود و برای آموزش روش‌های یادگیری ماشین مانند شبکه‌های عصبی پرسپترون چندلایه^{۱۷} برای طبقه‌بندی بیماران از افراد سالم استفاده می‌شود. الگوریتم ترکیبی الگوریتم بهینه‌سازی فراابتکاری نهنگ و الگوریتم بهینه‌سازی هریس‌هاکس برای انتخاب ویژگی استفاده می‌شود. هر بردار ویژگی که خطای طبقه‌بندی و تعداد ویژگی‌های انتخابی را کاهش دهد، به عنوان بردار ویژگی بهینه‌تر در تشخیص بیماری شناخته می‌شود. ویژگی‌های انتخاب شده توسط الگوریتم HHO_WOA در مرحله بعد برای یادگیری سه روش یادگیری ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost استفاده می‌شود.

مرحله دوم: طبقه‌بندی ارجاع افراد به دسته‌های بیمار و سالم

پس از مرحله انتخاب ویژگی و شناخت ویژگی‌های منتخب مربوط به هستی‌شناسی بیماران، بردار ویژگی بهینه کشف شده برای آموزش ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost استفاده می‌شود.

جزئیات مراحل روش پیشنهادی به شرح زیر می‌باشد:

- برای افزایش دقت یادگیری از نرمال‌سازی در مرحله پیش پردازش استفاده می‌شود.
- نمونه‌های آموزشی که می‌تواند حدود ۷۰ درصد کل نمونه‌ها باشد برای آموزش و یادگیری ماشین استفاده می‌شود. بقیه نمونه‌ها می‌توانند به عنوان نمونه آزمایشی برای ارزیابی روش پیشنهادی در تشخیص بیماری کرونا

استفاده شوند.

- با استفاده از انتخاب ویژگی، ویژگی‌های مهم از میان ویژگی‌های اولیه مرتبط با بیماری انتخاب می‌شوند و با سازوکار رای اکثریت برای یادگیری استفاده می‌شوند.
- در مرحله انتخاب ویژگی، یک بردار ویژگی به عنوان یک عضو ترکیبی از الگوریتم‌های WOA و HHO کدگذاری می‌شود. بردار ویژگی می‌تواند دارای مولفه‌های صفر و یک باشد که به ترتیب نشان دهنده عدم انتخاب ویژگی و انتخاب ویژگی‌های مربوط به بیماری کرونا است.
- چندین بردار ویژگی به طور تصادفی به عنوان اعضای ترکیبی الگوریتم‌های WOA و HHO در نظر گرفته می‌شوند.
- با اجرای ترکیبی الگوریتم‌های WOA و HHO، بردارهای ویژگی به‌روز می‌شوند.
- هر بردار ویژگی با یک تابع هدف یا هزینه ارزیابی می‌شود. تابع هدف شامل دو تابع میانگین خطای پیش‌بینی و تعداد ویژگی‌های انتخاب شده است. شبکه عصبی MLP در این مرحله برای ارزیابی و اندازه‌گیری خطای پیش‌بینی بردارهای ویژگی استفاده می‌شود.
- در هر مرحله از الگوریتم HHO_WOA، بردارهای ویژگی با توابع تبدیل به حالت دودویی تبدیل می‌شوند.
- مراحل به‌روزرسانی بر روی بردارهای ویژگی انجام شده و در نهایت بردار ویژگی بهینه در هر تکرار مشخص می‌شود.
- بردار ویژگی بهینه بر روی نمونه‌های آزمایشی انجام می‌شود و آنها را در ابعاد کاهش می‌دهد تا از ویژگی‌های مهم نمونه‌های آزمایشی برای طبقه‌بندی استفاده شود.
- بردار ویژگی بهینه هستی‌شناسی بیماران به عنوان ورودی سه روش ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost استفاده می‌شود.
- اگر دو یا سه روش از روش‌های ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost به بیماری فرد رای مثبت دهند، فرد بیمار در نظر گرفته می‌شود.
- هر یک از مقادیر استفاده شده در ویژگی مجموعه

تشکیل شده است. هر بردار ویژگی به اندازه ویژگی‌های مجموعه داده ابعاد دارد، بنابراین انتخاب ویژگی یک مسئله چند بعدی است. در روش پیشنهادی، یک نسخه دودویی از ترکیب رفتار الگوریتم HHO و الگوریتم WOA برای کاهش ابعاد و انتخاب ویژگی‌ها استفاده می‌شود. معادله ۲ تابع هزینه یک بردار ویژگی را محاسبه می‌کند:

$$J(X_i) = \begin{cases} \text{Error Classification} \\ \text{Size Feature Vector} \end{cases} \quad (2)$$

در تابع هدف از دو عامل خطای طبقه‌بندی افراد مبتلا به کرونا و افراد سالم و همچنین تعداد ویژگی‌های انتخاب شده استفاده می‌شود. هر بردار ویژگی که بتواند این تابع را به حداقل برساند، گزینه مطلوبی برای کاهش ابعاد نمونه‌ها است. برای به‌روزرسانی بردارهای ویژگی در هر تکرار مطابق نمودار در شکل ۲، ترکیبی از رفتار الگوریتم HHO و WOA انجام می‌شود. در روش انتخاب ویژگی پیشنهادی، $X^*(t)$ که جواب یا بردار ویژگی بهینه در تکرار t برای بردار $X(t)$ می‌باشد. علاوه بر این، الگوریتم WOA برای انتخاب ویژگی استفاده می‌شود. یک نهنگ یک بردار ویژگی است که می‌تواند حرکات چرخشی و تصادفی را برای به‌روزرسانی انجام دهد. برای به‌روزرسانی بردارهای ویژگی با حرکت چرخشی، ابتدا یک نهنگ فاصله خود را از نهنگ بهینه با رابطه ۳ محاسبه می‌کند و سپس با استفاده از رابطه ۴، حرکت چرخشی را در راستای این نهنگ انجام می‌دهد:

$$\vec{D} = |\vec{C} \cdot \vec{X}^*(t) - \vec{X}(t)| \quad (3)$$

$$\vec{X}(t+1) = \vec{X}^*(t) - \vec{AD} \quad (4)$$

در این معادلات، D بردار فاصله موقعیت یک بردار ویژگی یا نهنگی مانند $X(t)$ از موقعیت یا بردار ویژگی بهینه مانند $X^*(t)$ در تکرار t الگوریتم پیشنهادی است. در روش پیشنهادی از رابطه ۵ و ۶ برای انتخاب ویژگی و محاسبه پارامترهای C و A استفاده می‌شود:

$$\vec{A} = 2\vec{a} \cdot \vec{r} - \vec{a} \quad (5)$$

$$\vec{C} = 2\vec{r} \quad (6)$$

داده کرونا دارای طیف گسترده‌ای از تغییرات است. برای افزایش کارایی روش‌های یادگیری ماشین، هر یک از ویژگی‌های مجموعه داده تا یک بازه زمانی خاص نرمال می‌شود. با نرمال‌سازی مقادیر یک صفت و ویژگی که در یادگیری نقش دارد، به فواصل کوچکتر نگاشت می‌شود. از رابطه ۱ برای نرمال‌سازی استفاده می‌شود. در این معادله $[a, b]$ به عنوان محدوده نرمال ویژگی‌ها تعیین می‌شود.

$$N = \frac{n - \min}{\max - \min} (b - a) + a \quad (1)$$

در این معادله، N مقدار نرمال شده یک ویژگی و n مقدار غیرنرمال آن است. مقادیر $\min$ و $\max$ به ترتیب حداقل و حداکثر مقادیر یک ویژگی هستند. مقادیر a و b محدوده‌های نرمال شده پایین و بالایی هستند. در یادگیری ماشین، مقادیر هر ویژگی معمولاً در محدوده $[0, 1]$ ارائه می‌شود. بخش اصلی چارچوب پیشنهادی انتخاب ویژگی است. در روش پیشنهادی برای انتخاب ویژگی، از الگوریتم ترکیبی HHO و الگوریتم WOA استفاده شده است که دلایل این انتخاب در زیر ذکر شده است:

- الگوریتم WOA یک الگوریتم بهینه‌سازی فراابتکاری با سه نوع جستجوی محلی، سراسری و تصادفی است و توانایی بالایی در حل مسائل دارد.
 - الگوریتم WOA رفتار هوش ازدحامی دارد و اگر یک یا چند راه حل نتوانند به جواب بهینه برسند، راه‌های دیگر این شانس را دارند.
 - الگوریتم WOA از الگوریتم‌های فراابتکاری مانند PSO و GA دقیق‌تر است.
 - الگوریتم HHO هوش بالایی برای یافتن پاسخ دارد و اگر رفتار جستجوی مارپیچی و دایره‌ای در الگوریتم WOA به آن اضافه شود، قابلیت جستجوی بیشتری دارد.
- برای کاهش ابعاد ویژگی‌های هستی‌شناسی بیماران، ابتدا مسئله فرموله می‌شود. هر راه‌حل برای مسئله یک بردار ویژگی مانند X_i است که از a الگوی صفر و یک

از رابطه ۹ برای به‌روزرسانی بردارهای ویژگی استفاده می‌شود:

$$\vec{X}(t+1) = \begin{cases} \vec{X}^*(t) - \vec{AD} & \text{if } p < 0.5 \\ \vec{D}' + e^{bl} \cdot \cos(2\pi l) + \vec{X}^*(t) & \text{if } p \geq 0.5 \end{cases} \quad (9)$$

p یک عدد تصادفی بین صفر و یک است که برای هر بردار ویژگی یا نهنک تولید می‌شود. اگر عدد تصادفی بزرگتر از ۰/۵ باشد، از حرکت مارپیچی استفاده می‌شود، در غیر این صورت از حرکت چرخشی برای به‌روزرسانی نهنک‌ها استفاده می‌شود. الگوریتم HHO همچنین می‌تواند برای به‌روزرسانی بردارهای ویژگی پس از الگوریتم WOA استفاده شود. برای به‌روزرسانی بردارهای ویژگی در الگوریتم HHO، ابتدا رفتار تصادفی با استفاده از رابطه ۱۰ انجام می‌شود:

$$X(t+1) = \begin{cases} X_{rand}(t) - r_1 |X_{rand}(t) - 2r_2 \cdot X(t)| & \text{rand} \geq 0.5 \\ (X_{rabbit}(t) - X_M(t)) - r_3(LB + r_4(UB - LB)) & \text{rand} < 0.5 \end{cases} \quad (10)$$

در این معادله، $X(t)$ موقعیت فعلی یک شاهین یا یک بردار ویژگی در تکرار جاری یا t و $X(t+1)$ موقعیت یک شاهین یا بردار ویژگی در تکرار جدید است. $X_{rabbit}(t)$ موقعیت بهینه‌ترین جواب یا بهینه‌ترین بردار ویژگی است. $X_{rand}(t)$ یک موقعیت تصادفی از فضای ویژگی در فضای مشکل است. پارامتر $X_M(t)$ نقطه گرانش جمعیت شاهین‌ها یا بردارهای مرتبط با موقعیت سرخوشه‌ها است. $d'1$ ، $d'2$ و $d'3$ اعداد تصادفی در محدوده صفر و یک هستند. LB و UB به ترتیب حد پایین و بالای راه‌حل‌ها در فضای مشکل هستند. در الگوریتم HHO برای به‌روزرسانی شاهین‌ها یا بردارهای ویژگی و برای مدل‌سازی محیط هموار برای به‌روزرسانی بردارهای مربوط به موقعیت سرخوشه‌ها از معادلات ۱۱ و ۱۲ استفاده می‌شود:

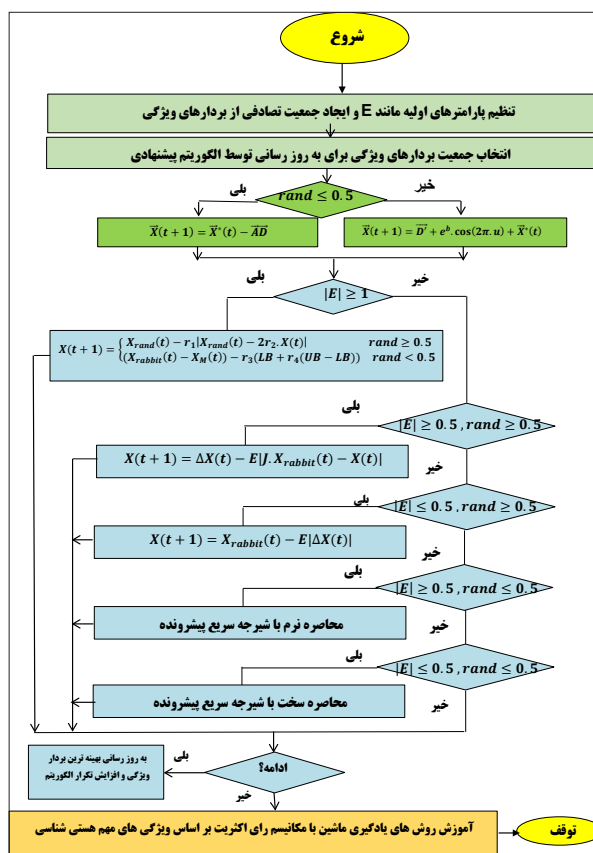
$$X(t+1) = \Delta X(t) - E|J \cdot X_{rabbit}(t) - X(t)| \quad (11)$$

$$\Delta X(t) = X_{rabbit}(t) - X(t) \quad (12)$$

لیک مقدار تصادفی بین صفر و ۲ است و این پارامتر به عنوان مرحله حرکت طعمه یا بردارهای مرتبط با موقعیت بردار ویژگی بهینه استفاده می‌شود. هر راه‌حل یا شاهین

در این معادلات a بین دو و صفر است و با گذشت زمان و با توجه به تکرار باید از دو به صفر کاهش یابد. r بردار تصادفی با توزیع یکنواخت در بازه $[0, 1]$ است. از معادله ۷ برای به‌روزرسانی بردارهای ویژگی با حرکات مارپیچی استفاده می‌شود:

$$\vec{X}(t+1) = \vec{D}' + e^{bl} \cdot \cos(2\pi l) + \vec{X}^*(t) \quad (7)$$



شکل (۲): انتخاب ویژگی با استفاده از ترکیب الگوریتم WOA، HHO و هستی شناسی بیمار

D' فاصله بین موقعیت یک بردار ویژگی از بردار ویژگی بهینه است. پارامتر b یک عدد ثابت و a یک عدد تصادفی یکنواخت در بازه $[-1, 1]$ است. در حرکت مارپیچی از رابطه ۸ برای محاسبه بردار استفاده می‌شود:

$$\vec{D}' = |\vec{X}^*(t) - \vec{X}(t)| \quad (8)$$

برای انجام حرکات مارپیچی یا چرخشی بر روی هر بردار ویژگی یا یک مقدار در هر تکرار به نسبت مساوی

۴. ارزیابی

۴.۱. مجموعه داده و محیط ارزیابی

مجموعه داده SARS-CoV2 [۲۰] ارائه شده در ماه‌های اولیه سال ۲۰۲۰ برای ارزیابی روش پیشنهادی استفاده شد. این مجموعه داده شامل اطلاعات ۵۶۴۴ بیمار است که در آن حدود ۱۰ درصد افراد بیمار هستند. از این ۱۰ درصد، بین ۵/۲ تا ۵/۶ درصد نیاز به مراقبت ویژه در بیمارستان داشته‌اند. در این مجموعه داده، اطلاعات جنسیتی وجود ندارد و از ۱۹ ویژگی مهم و اولیه برای تشخیص بیماری کرونا استفاده می‌کند. ویژگی شماره ۲۰ ویژگی خروجی است که نشان می‌دهد فرد سالم است یا بیمار. روش پیشنهادی در متلب نسخه ۲۰۲۰ پیاده‌سازی شده است و علاوه بر پیاده‌سازی روش پیشنهادی، روش‌های ماشین‌بردار پشتیبان، MLP و XGBoost نیز پیاده‌سازی شده است. در اجراها، اندازه جمعیت الگوریتم HHO و تعداد تکرارها به ترتیب ۲۰ و ۵۰ تنظیم شده است. مقدار ضرایب E و l در اولین تکرار الگوریتم HHO نیز برابر با ۲ بوده است. محدوده نرمال‌سازی مجموعه داده نیز بین [۰، ۱] تنظیم شده است. شبکه عصبی مورد استفاده در این تحقیق نیز دارای دو لایه بوده است. نوع هسته مورد استفاده در ماشین‌بردار پشتیبان از نوع گاوسی در نظر گرفته شد. برای ارزیابی روش پیشنهادی، از شاخص صحت، حساسیت، دقت و F1 بر اساس معادلات ۱۵، ۱۶، ۱۷ و ۱۸ استفاده شده است:

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+FP+TN+FN} \times 100\% \quad (15)$$

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN} \times 100\% \quad (16)$$

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP} \times 100\% \quad (17)$$

$$F1 = \frac{2TP}{2TP+FP+FN} \times 100\% \quad (18)$$

۴.۲. نتایج

جدول ۱ نتایج مقایسه شاخص ارزیابی صحت، حساسیت، دقت و F1 روش پیشنهادی را با چندین روش یادگیری بدون

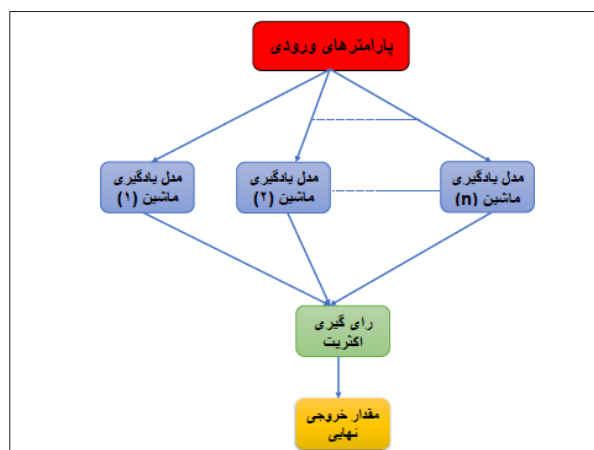
می‌تواند مستقیماً به نزدیکی بردار ویژگی برسد و به سمت آن شیرجه بزند. این رفتار طبق رابطه ۱۳ تعریف می‌شود:

$$X(t+1) = X_{rabbit}(t) - E|\Delta X(t)| \quad (13)$$

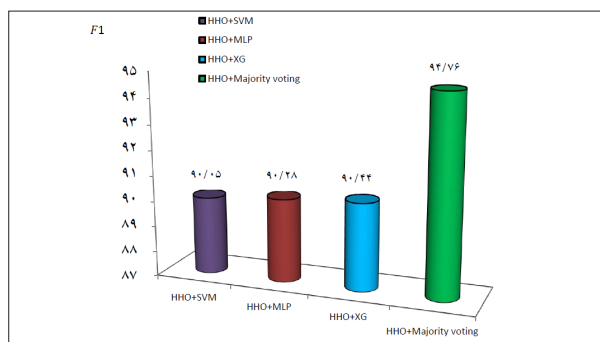
هر شاهین یا بردار مربوط به آن می‌تواند با توجه به مرکز تجمع سایر شاهین‌ها یا بردارهای ویژگی تصمیم بگیرد و نقطه ثقل آنها را تعیین کند. در این حالت جابه‌جایی طبق رابطه ۱۴ انجام می‌شود:

$$X(t+1) = X_{rabbit}(t) - E|J.X_{rabbit}(t) - X_m(t)| \quad (14)$$

هر شاهین یا بردار ویژگی مربوطه از میانگین موقعیت جمعیت بردار ویژگی و بهینه‌ترین بردار ویژگی برای نزدیک شدن به طعمه و جستجوی اطراف آن برای یافتن بردارهای ویژگی بهینه استفاده می‌کند. پس از اتمام مرحله انتخاب ویژگی، بهینه‌ترین بردار ویژگی برای آموزش روش‌های ماشین‌بردار پشتیبان، MLP و XGBoost در رای‌گیری اکثریت استفاده می‌شود. مطابق شکل ۳، چندین روش طبقه‌بندی موازی با هم آموزش داده می‌شود. نتیجه این روش با رای اکثریت مشخص می‌شود. اگر n طبقه‌بندی‌کننده وجود داشته باشد و بیش از n/۲ طبقه‌بندی‌کننده به کلاس بیماران کرونا رأی دهند، در این صورت فرد به کرونا آلوده شده است. در روش پیشنهادی، از سه تکنیک ماشین‌بردار پشتیبان، MLP و XGBoost برای رای اکثریت استفاده می‌شود.

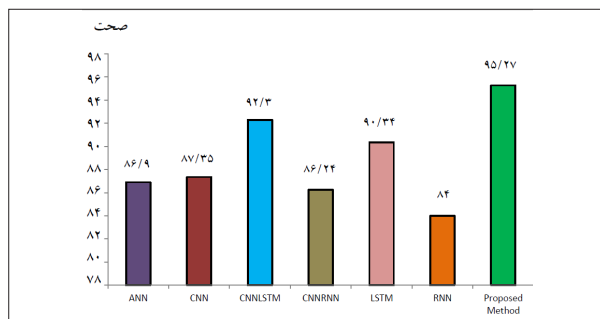


شکل (۳): روش طبقه‌بندی با رای‌گیری اکثریت

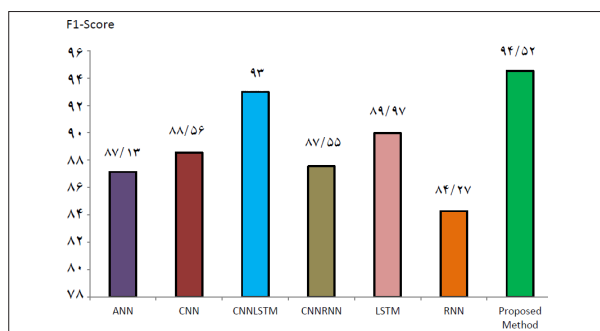


شکل (۷): مقایسه F1 روش پیشنهادی با روش‌های ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost

در شکل ۸ و ۹، شاخص دقت و F1 روش پیشنهادی برای تشخیص بیماران کرونا با چندین روش مشابه مقایسه شده است.



شکل (۸): مقایسه دقت روش پیشنهادی با روش‌های یادگیری در تشخیص کرونا



شکل (۹): مقایسه F1 روش پیشنهادی با روش‌های یادگیری در تشخیص کرونا

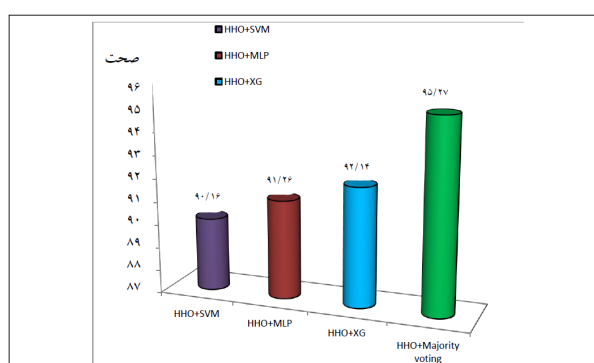
۳.۴. بحث

بررسی نتایج نشان می‌دهد که صحت روش‌های رای‌گیری ماشین بردار پشتیبان، XGBoost و MLP و روش پیشنهادی به ترتیب ۹۰/۱۶، ۹۱/۲۶، ۹۲/۱۴ درصد و

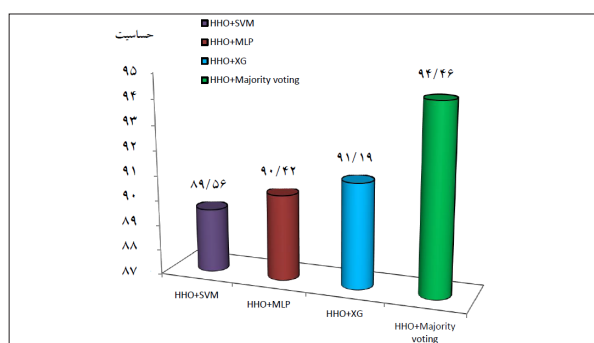
رای اکثریت و شکل‌های ۴ تا ۷ نتیجه مقایسه روش پیشنهادی را از نظر صحت، حساسیت، دقت و F1 با سه روش ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost نشان می‌دهند.

جدول (۱): مقایسه روش پیشنهادی با روش‌های بدون رای‌گیری اکثریت

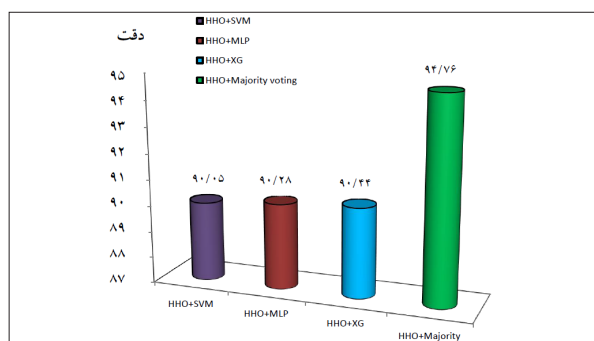
روش‌ها	صحت	حساسیت	دقت	F1
HHO+SVM	۹۰/۱۶	۸۹/۵۶	۹۰/۰۵	۹۰/۱۲
HHO+MLP	۹۱/۲۶	۹۰/۴۲	۹۰/۲۸	۹۰/۳۵
HHO+XG	۹۲/۱۴	۹۱/۱۹	۹۰/۴۴	۹۰/۶۴
HHO+ Majority voting	۹۵/۲۷	۹۴/۴۶	۹۴/۷۶	۹۴/۵۲



شکل (۴): مقایسه صحت روش پیشنهادی با روش‌های ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost



شکل (۵): مقایسه حساسیت روش پیشنهادی با روش‌های ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost



شکل (۶): مقایسه دقت روش پیشنهادی با روش‌های ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost

۵. نتیجه

بیماری کرونا در پایان سال ۲۰۱۹ در جهان گسترش یافت. کرونا باعث مرگ میلیون‌ها نفر شده است. یکی از راه‌های مقابله با این بیماری، جلوگیری از گسترش سریع آن می‌باشد که این امر با تشخیص درست و سریع قابل انجام می‌باشد. با توجه به هزینه بر بودن روش‌های آزمایشگاهی بیشتر روش‌های ارائه شده از پردازش تصویر برای تشخیص بیماران از افراد سالم استفاده می‌کنند. روش‌های پردازش تصویر محدودیت‌های زیادی دارند زیرا در بیشتر موارد علائم کرونا در ریه‌های فرد نشان داده نمی‌شود. در این مقاله روشی مبتنی بر انتخاب ویژگی و هستی‌شناسی بیماران برای تشخیص بیماری کرونا بر اساس اطلاعات مراکز درمانی ارائه شده است. در روش پیشنهادی، ویژگی‌های مهم هستی‌شناسی بیماران با الگوریتم HHO انتخاب می‌شود. در مرحله دوم از روش‌های ماشین بردار پشتیبان، MLP و XGBoost در یادگیری با رای‌گیری اکثریت برای تشخیص بیماری کرونا استفاده می‌شود. آزمایش‌ها نشان دادند که صحت، حساسیت و دقت روش پیشنهادی در تشخیص بیماران مبتلا به کرونا ۹۵/۲۷ درصد، ۹۴/۴۶ درصد و ۹۴/۷۶ درصد است. روش پیشنهادی در تشخیص بیماری کرونا از شبکه عصبی مصنوعی، شبکه عصبی هم‌آمیختی، هم‌آمیختی - حافظه کوتاه مدت طولانی، هم‌آمیختی - شبکه عصبی بازگشتی، حافظه کوتاه مدت طولانی و شبکه عصبی بازگشتی دقیق‌تر است. علاوه بر این نتایج ارزیابی نشان دادند که روش پیشنهادی دقیق‌تر از روش‌های یادگیری عمیق مانند شبکه عصبی هم‌آمیختی و حافظه کوتاه مدت طولانی است. مزیت دیگر روش پیشنهادی استفاده از ویژگی‌های هستی‌شناسی بیماران است که باعث افزایش دقت تشخیص و بهبود پارامترهای مورد ارزیابی شده است.

مراجع

1. J. V. Lazarus et al., "A global survey of potential acceptance of a COVID-19 vaccine," Nature medicine, vol. 27,

۹۵/۲۷ درصد است. شاخص حساسیت ماشین‌بردار پشتیبان، XGBoost، MLP و روش پیشنهادی به ترتیب ۸۹/۵۶، ۹۰/۴۲، ۹۱/۱۹ و ۹۴/۴۶ درصد است. شاخص دقت ماشین‌بردار پشتیبان، XGBoost، MLP و روش پیشنهادی به ترتیب ۹۰/۵۰، ۹۰/۲۸، ۹۰/۴۴ و ۹۴/۷۶ درصد است. معیار F1 برای روش‌های ماشین‌بردار پشتیبان، MLP، XGBoost و روش پیشنهادی ۹۱/۱۲، ۹۰/۳۵، ۹۰/۶۴ و ۹۴/۵۲ درصد است. مقایسه‌ها نشان می‌دهد که در بین روش‌های مقایسه شده، رویکرد پیشنهادی با رای اکثریت بالاترین دقت، حساسیت، دقت و F1 را در تشخیص بیماران دارد. روش XGBoost نتایج بهتری نسبت به دو روش دیگر مورد مقایسه به دست آورده است. روش ماشین‌بردار پشتیبان ضعیف‌ترین عملکرد را در تشخیص بیماری کرونا داشته است. همچنین شکل ۸ و ۹ نشان می‌دهند که روش پیشنهادی در تشخیص بیماری کرونا از شبکه عصبی مصنوعی، شبکه عصبی هم‌آمیختی، هم‌آمیختی - حافظه کوتاه مدت طولانی، هم‌آمیختی - شبکه عصبی بازگشتی، حافظه کوتاه مدت طولانی و شبکه عصبی بازگشتی ۲۰ دقیق‌تر است. دلیل اصلی این موضوع این است که روش پیشنهادی از سه طبقه‌بندی‌کننده ماشین‌بردار پشتیبان، MLP و XGBoost به جای یک طبقه‌بندی‌کننده به طور هم زمان با رای اکثریت استفاده می‌کند. مزیت رای اکثریت این است که اگر روش‌های طبقه‌بندی ماشین‌بردار پشتیبان، MLP و XGBoost اشتباه کنند، آنگاه دو روش یادگیری دیگر این خطا را تصحیح می‌کنند. انتخاب ویژگی یک عامل اساسی در افزایش دقت روش‌های طبقه‌بندی است. انتخاب هوشمند ویژگی دلیل دقت بالاتر روش پیشنهادی در تشخیص بیماران مبتلا به کرونا است. نتایج ارزیابی نشان داد در روش پیشنهادی ترکیب الگوریتم‌های HHO و WOA سازوکارهای جستجوی بیشتر ایجاد می‌کند و باعث می‌شود که فضای ویژگی را با دقت بیشتری جستجو کند تا بردار ویژگی بهینه را پیدا کند.

- 18-CNN-Recurrent Neural Network (CNNRNN)
- 19-LSTM
- 20-RNN

- Banfi, and F. Cabitza, "Detection of COVID-19 infection from routine blood exams with machine learning: a feasibility study," *Journal of medical systems*, vol. 44, pp. 1-12, 2020.
16. A. M. U. D. Khanday, S. T. Rabani, Q. R. Khan, N. Rouf, and M. Mohi Ud Din, "Machine learning based approaches for detecting COVID-19 using clinical text data," *International Journal of Information Technology*, vol. 12, pp. 731-739, 2020.
 17. L. Sun et al. , "Combination of four clinical indicators predicts the severe/critical symptom of patients infected COVID-19," *Journal of Clinical Virology*, vol. 128, p. 104431, 2020.
 18. L. Yan et al. , "An interpretable mortality prediction model for COVID-19 patients," *Nature machine intelligence*, vol. 2, no. 5, pp. 283-288, 2020.
 19. A. Salama, A. Darwsih, and A. E. Hassanien, "Artificial intelligence approach to predict the covid-19 patient's recovery," *Digital Transformation and Emerging Technologies for Fighting COVID-19 Pandemic: Innovative Approaches*, pp. 121-133, 2021.
 20. Einstein Data4u. Diagnosis of COVID-19 and its clinical spectrum AI and Data Science supporting clinical decisions (from 28th Mar to 3st Apr). . [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/einsteindata4u/covid19> [accessed 2020-04-01]
 - no. 2, pp. 225-228, 2021.
 2. M. Ahsan, M. A. Based, J. Haider, and M. Kowalski, "COVID-19 detection from chest X-ray images using feature fusion and deep learning," *Sensors*, vol. 21, no. 4, p. 1480, 2021.
 3. A. S. Kwekha-Rashid, H. N. Abduljabbar, and B. Al-hayani, "Coronavirus disease (COVID-19) cases analysis using machine-learning applications," *Applied Nanoscience*, vol. 13, no. 3, pp. 2013-2025, 2023.
 4. T. Alafif, A. M. Tehame, S. Bajaba, A. Barnawi, and S. Zia, "Machine and deep learning towards COVID-19 diagnosis and treatment: survey, challenges, and future directions," *International journal of environmental research and public health*, vol. 18, no. 3, p. 1117, 2021.
 5. J. L. Izquierdo et al. , "Clinical management of COPD in a real-world setting. A big data analysis," *Archivos de Bronconeumología (English Edition)*, vol. 57, no. 2, pp. 94-100, 2021.
 6. S. EDNYCT, "Chart Review of Patients With COPD, Using Electronic Medical Records and Artificial Intelligence (BigCOPData)," *ClinicalTrials.gov*, 2019.
 7. S. Sbissi, M. Mahfoudh, and S. Gattoufi, "A medical decision support system for cardiovascular disease based on ontology learning," in 2020 International Multi-Conference on: "Organization of Knowledge and Advanced Technologies"(OCTA), 2020: IEEE, pp. 1-9.
 8. M. Singh, S. Bansal, S. Ahuja, R. K. Dubey, B. K. Panigrahi, and N. Dey, "Transfer learning-based ensemble support vector machine model for automated COVID-19 detection using lung computerized tomography scan data," *Medical & biological engineering & computing*, vol. 59, pp. 825-839, 2021.
 9. B. Wang et al. , "AI-assisted CT imaging analysis for COVID-19 screening: Building and deploying a medical AI system," *Applied soft computing*, vol. 98, p. 106897, 2021.
 10. S. Wang et al. , "A deep learning algorithm using CT images to screen for Corona Virus Disease (COVID-19)," *European radiology*, vol. 31, pp. 6096-6104, 2021.
 11. F. Shi et al. , "Large-scale screening to distinguish between COVID-19 and community-acquired pneumonia using infection size-aware classification," *Physics in medicine & Biology*, vol. 66, no. 6, p. 065031, 2021.
 12. L. N. Mahdy, K. A. Ezzat, H. H. Elmousalami, H. A. Ella, and A. E. Hassanien, "Automatic x-ray covid-19 lung image classification system based on multi-level thresholding and support vector machine," *MedRxiv*, p. 2020.03.30.20047787, 2020.
 13. P. K. Sethy and S. K. Behera, "Detection of coronavirus disease (covid-19) based on deep features," 2020.
 14. J. Zhang, Y. Xie, Y. Li, C. Shen, and Y. Xia, "Covid-19 screening on chest x-ray images using deep learning based anomaly detection," *arXiv preprint arXiv:2003.12338*, vol. 27, no. 10.48550, 2020.
 15. D. Brinati, A. Campagner, D. Ferrari, M. Locatelli, G.